



Madrid, miércoles 27 de febrero de 2019

Descritos los genes del trigo que se activan como respuesta a la sequía en el campo

- Este avance permitirá un nuevo enfoque para afinar los procesos de mejora y obtención de variedades equipadas genéticamente para afrontar las condiciones climáticas



Un equipo internacional con participación de investigadores del Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) ha descrito los genes del trigo harinero que se activan o reprimen como respuesta a la sequía en el campo de cultivo y además ha identificado variaciones genéticas más favorables para mejorar la calidad semolera del trigo duro. Estos avances en el conocimiento de los genes del trigo que responden a las variaciones en las condiciones ambientales permiten un nuevo enfoque para afinar los

procesos de mejora y obtención de nuevas variedades, y conseguir que en el futuro están mejor equipadas genéticamente para hacer frente a cambios en las condiciones agroclimáticas. Los resultados, publicados en dos estudios en las revistas *Functional & Integrative Genomics* y *PLOS ONE*, han utilizado el genoma del trigo publicado en agosto de 2018.

“En el primer estudio hemos comprobado en el mapa genético del trigo la arquitectura genómica especial del trigo harinero, que tiene tres subgenomas, y hemos comprobado en este mapa cómo se ponen en marcha de manera coordinada determinados conjuntos (redes) de genes en respuesta a la sequía”, explica Pilar Hernández, investigadora del CSIC en el Instituto de Agricultura Sostenible de Córdoba.

“El desarrollo de indicadores espectrales relacionados con cambios fisiológicos detectables en estados iniciales -previsuales- de estrés nos permite monitorizar espacial y temporalmente las interacciones entre respuesta genética y las condiciones ambientales”, indica Pablo J. Zarco-Tejada, investigador vinculado al CSIC, profesor de la Universidad de Melbourne (Australia) y responsable de las metodologías de teledetección utilizadas. En concreto, los sensores hiperespectrales utilizados permiten la cuantificación de la emisión de fluorescencia clorofílica de cada parcela experimental, indicador directamente relacionado con la fotosíntesis, así como la caracterización de xantofilas, unos pigmentos fotosintéticos clave por su conexión con la eficiencia fotosintética en situaciones de estrés.

“Las medidas fisiológicas realizadas durante los episodios de sequía nos permiten caracterizar la respuesta del cultivo frente al estrés hídrico y evaluar su adaptación, lo que se relaciona con la activación de redes específicas de genes”, explica Victoria González Dugo, investigadora del Instituto de Agricultura Sostenible.

“Se ha analizado por primera vez cómo cambia la expresión de todos los genes del trigo en una situación real de cultivo y en una hoja fundamental para el desarrollo del trigo (la denominada 'hoja bandera') en respuesta a unas condiciones de sequía producida en un momento muy importante para el cultivo (el llenado del grano), haciendo uso del genoma del trigo publicado el pasado agosto, ya que hemos utilizado la variedad de referencia”, añade Hernández.

Suma de genómica, agronomía, fisiología y teledetección

“La integración de la genómica con la agronomía, fisiología y la teledetección ha permitido ver los genes que se expresan 'in situ' en una situación real en el campo, donde lógicamente no se pueden controlar las condiciones y los estreses a los que se pueden ver sometidas las plantas son múltiples y muchas veces más suaves que los que imponemos en el laboratorio”, indica Hernández. La monitorización de las condiciones atmosféricas, del suelo y de la planta mediante sensores permite analizar estas situaciones y avanzar en el futuro.

En el segundo trabajo se han visto variaciones presentes en el germoplasma de trigo duro utilizado actualmente en la mejora y cuáles son las más favorables. La integración

de estas tecnologías ha permitido determinar genes asociados a la calidad semolera del trigo duro y cuáles de ellos se expresan de manera diferencial ante el estrés hídrico en el campo de cultivo.

Sergio Gálvez, Rosa Mérida-García, Carlos Camino, Philippa Borrill, Michael Abrouk, Ricardo H. Ramírez-González, Sezgi Biyiklioglu, Francisco Amil-Ruiz, The IWGSC, Gabriel Dorado, Hikmet Budak, Victoria Gonzalez-Dugo, Pablo J. Zarco-Tejada, Rudi Appels, Cristobal Uauy, Pilar Hernandez. **Hotspots in the genomic architecture of field drought responses in wheat as breeding targets.** *Functional & Integrative Genomics*. DOI: [10.1007/s10142-018-0639-3](https://doi.org/10.1007/s10142-018-0639-3)

Rosa Mérida-García, Guozheng Liu, Sang He, Victoria Gonzalez-Dugo, Gabriel Dorado, Sergio Gálvez, Ignacio Solís, Pablo J. Zarco-Tejada, Jochen C. Reif and Pilar Hernandez. **Genetic dissection of agronomic and quality traits based on association mapping and genomic selection approaches in durum wheat grown in Southern Spain.** *PLOS ONE*. DOI: [10.1371/journal.pone.0211718](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0211718)

CSIC Comunicación